Le Sélectionneur Français , 1981(29)35-59.

DEUX APPROCHES PERMETTANT D'OPTIMISER UN SCHEMA DE SELECTION RECURRENTE CHEZ LE HARICOT :

1. L'EVALUATION PRECOCE DES CROISEMENTS CHEZ LES PLANTES AUTOGAMES - EXEMPLE DU HARICOT-GRAIN

par H. BANNEROT

2. SELECTION INTRA OU INTERCROISEMENTS CHEZ LES ESPECES AUTOGAMES

par G. FOUILLOUX

Ces deux articles sont complémentaires,
le premier procède d'une approche expérimentale,
le second d'une généralisation mathématique.
Ils aboutissent aux mêmes conclusions.

Le Sélectionneur Français, 1981(29)36-51.

L'EVALUATION PRECOCE DES CROISEMENTS CHEZ LES PLANTES AUTOGAMES - EXEMPLE DU HARICOT-GRAIN

par

H. BANNEROT

Station de Génétique et d'Amélioration des Plantes, I.N.R.A.,
78000 Versailles, France

I. BONS CROISEMENTS ET MAUVAIS CROISEMENTS

Supposons que nous puissions faire appel à la mémoire de nombreux sélectionneurs autogamistes expérimentés, par exemple des sélectionneurs de blé, et qu'ils acceptent de répondre au questionnaire suivant :

1. classez l'ensemble des croisements que vous avez réalisés et observés dans votre carrière en fonction du nombre de lignées méritant d'être inscrites au catalogue que vous en avez tirées (pour éviter de surcharger l'échantillon avec les lignées-soeurs, comptez pour une lignée les différentes lignées-soeurs de la même famille, c'est-à-dire qui dérivent de la même plante F_2).

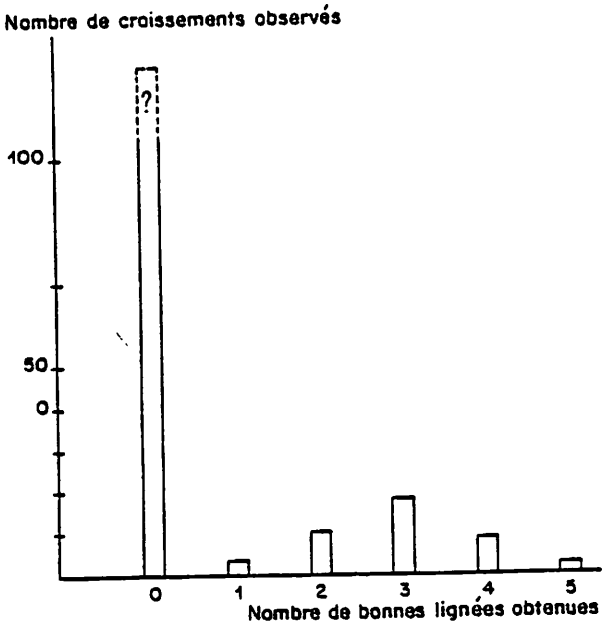
Notez 0, le croisement d'où on n'a tiré aucune lignée,
Notez 1, le croisement d'où on a tiré une lignée,
Notez 2, le croisement d'où on a tiré 2 lignées, etc.

2. figurez l'ensemble des résultats sous forme d'histogramme.

Cette enquête n'a jamais été réalisée (1), mais d'après les renseignements fragmentaires que j'ai eus, je pense que l'ensemble donnerait un histogramme semblable à ce qu'on peut voir sur la figure 1.

(1) *Si des volontaires veulent m'envoyer des données, je suis prêt à les collationner et à essayer de les interpréter.*

Figure 1



La plus grande partie des croisements réalisés ne donne donc finalement aucune descendance directement valable.

Par contre, quelques croisements donnent une et souvent plusieurs lignées de valeur (provenant de familles différentes).

Ceci montre que les croisements sont très différents pour leur aptitude à donner des lignées intéressantes. Il y a de bons croisements, affectés d'une forte probabilité de donner de bonnes descendances, par opposition aux autres qui, économiquement parlant, sont de mauvais croisements, car ils consomment beaucoup de surface, de temps et de main-d'oeuvre pour un résultat nul.

Une autre façon de montrer que les chances de progrès dans les descendances sont très inégalement réparties entre plantes hétérozygotes de départ est de faire le même bilan démographique à partir des plantes F_2 d'un croisement : on s'aperçoit que seules quelques plantes F_2 donnent une bonne descendance, évidemment presque toujours riche de plusieurs lignées valables, puisque soeurs.

Pour obtenir de bons croisements, il ne suffit malheureusement pas de croiser de bons parents, ce que font en général tous les sélectionneurs, il faut surtout que les parents soient suffisamment différents pour donner des recombinants supérieurs aux parents.

Ici pourrait se placer une foule de questions relatives à ce qui fait que certains croisements sont meilleurs que d'autres, je me contenterai de répondre à deux d'entre elles :

- Lorsqu'on a trouvé un ou plusieurs croisements vraiment intéressants, faut-il de préférence continuer à les exploiter indéfiniment ou en refaire de nouveaux à résultat

plus aléatoire ?

Le bon sens et les calculs (FOUILLOUX, 1980) montrent qu'il en coûte d'autant plus cher en effectifs que l'on veut s'éloigner de la moyenne du croisement : le progrès génétique n'est pas proportionnel aux moyens employés.

Nous sommes donc condamnés à explorer sans cesse de nouvelles combinaisons parmi lesquelles seules quelques unes se révèleront des sources intéressantes.

- Peut-on augmenter la fréquence des bons croisements dans un programme ?

La réponse est oui, à condition d'utiliser la sélection récurrente, dont c'est justement l'objet. En préservant la variabilité, en augmentant la fréquence des allèles favorables et des combinaisons d'allèles favorables, en fournissant des effectifs très élevés de plantes hétérozygotes, la sélection récurrente augmente considérablement la probabilité d'obtenir de bons croisements. Mais l'abondance même des sources disponibles risque de nous submerger, d'où l'intérêt d'une estimation aussi précoce que possible de la valeur des croisements en tant que sources de lignées.

II. CARACTERISTIQUES BIOMETRIQUES DES CROISEMENTS

Nous avons jusqu'ici raisonné sur un caractère assez mal défini : la valeur ; nous faisions implicitement référence à la cotation CTPS du blé, ensemble de caractères mesurables, pondérés chacun d'un coefficient, où d'ailleurs le rendement joue un rôle prépondérant.

En fait, ce qui précède et ce qui suit s'appliquent à tout caractère dit quantitatif, à déterminisme génétique complexe (polygénique) dont l'évaluation nécessite une expérimentation spéciale séparant l'effet du milieu de l'effet génétique, par opposition aux caractères qualitatifs dont l'expression peut être observée sur une plante isolée.

Nous définirons alors <u>la valeur</u> d'un croisement pour un caractère ou un ensemble de caractères (précocité, tolérance, poids d'un organe, rendement, ...) par deux grandeurs statistiques m et v exprimées en unités appropriées au(x) caractère(s) à sélectionner.

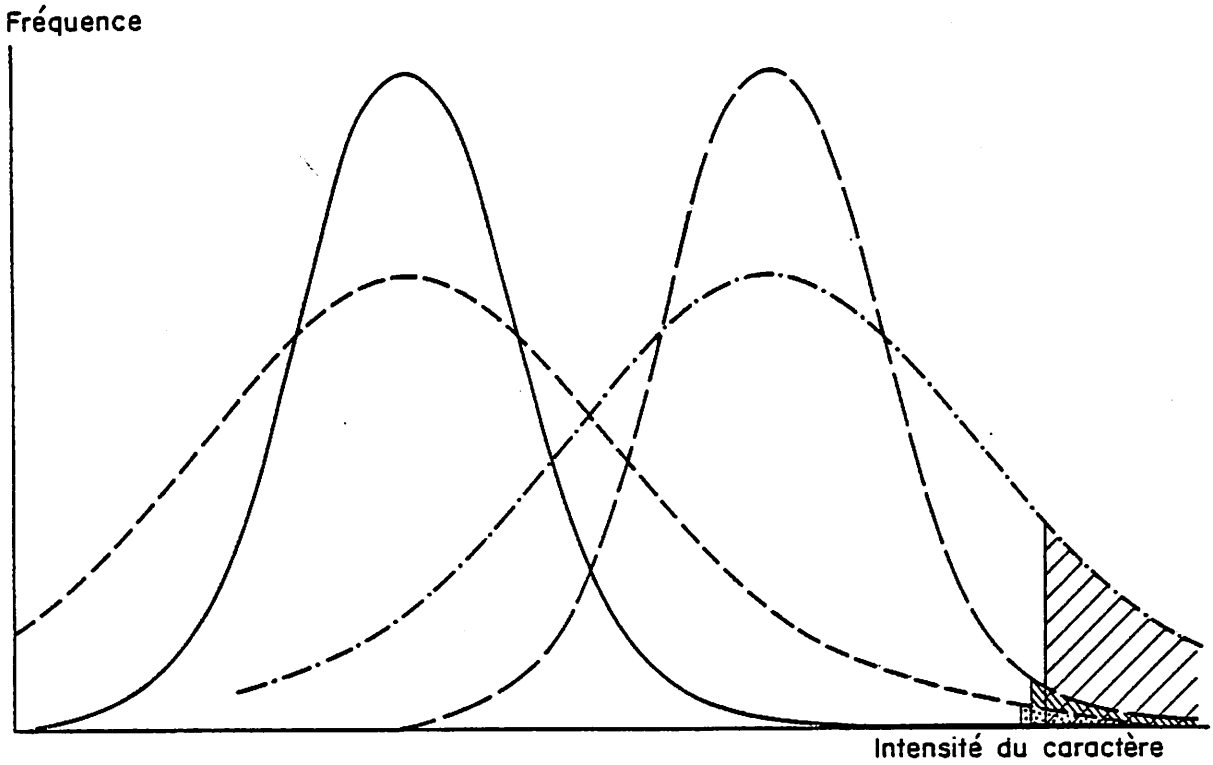
1) m sera la moyenne des valeurs de toutes les lignées fixées que l'on peut théoriquement tirer du croisement : on l'appelle souvent "valeur en lignées".

2) v sera la variance de ces valeurs qui nous renseignera sur la dispersion des lignées, donc sur les chances de transgression.

Dans la population infinie des croisements possibles, il est commode pour la clarté de l'exposition de distinguer arbitrairement quatre grands types de croisements en fonction de m et v.

1. m et v faibles
2. m faible, v fort
3. m fort, v faible
4. m et v forts

Figure 2



C'est dans la partie droite de la figure 2, au niveau élevé d'expression du caractère sous sélection que nous souhaitons trouver un maximum de lignées. On voit alors que la probabilité d'en trouver est minimale avec le type 1, meilleure avec 2 ou 3, maximale avec 4.

Remarquons, que dans les programmes classiques de croisements à 2 parents homozygotes P_1 et P_2 (que nous devrons maintenant considérer comme un cas particulier), on peut prédire que m est pratiquement égal à $\frac{P_1 + P_2}{2}$, ce qui entraîne que les progrès (définis comme l'obtention de lignées supérieures au meilleur parent), ne peuvent être obtenus que par transgression. Dans ce cas, les bons croisements sont donc avant tout des croisements à forte variance, donc entre parents génétiquement distants, ce que nous avions déjà vu.

III. GENERALISATION DE LA NOTION DE CROISEMENT

Nous pouvons généraliser la notion de croisement, en tant que source de lignées pures, à toute plante hétérozygote, en particulier celles que nous fournissent les croisements pyramidaux et les populations améliorées par sélection récurrente, justement appelées populations-sources. Dans les populations-sources, le nombre des sources est pratiquement infini, le niveau du caractère a été amélioré par sélection douce et le taux de recombinaisons efficaces est maximisé. Ceci aboutit en quelque sorte à ce que

les "transgressions" sont déjà en partie effectuées et que nous allons pouvoir sélectionner les sources non sur leur variance v, mais directement sur m , ce qui est beaucoup plus facile.

Il nous est évidemment impossible de connaitre la valeur exacte de m, car il nous faudrait mettre en essai comparatif un très grand nombre de lignées fixées tirées au hasard de chaque croisement : nous nous contenterons donc, d'une estimation ; le problème est de fixer la précision que nous voulons donner à cette estimation, ce qui déterminera la taille de l'échantillon nécessaire.

FOUILLOUX a montré récemment par calculs et simulation, qu'une estimation tout à fait correcte de m pouvait être obtenue par extraction (par exemple par SSD) de moins de 100 lignées. En étant encore moins difficile sur la précision de m, (ce qui sera le cas lorsque les sources seront suffisamment différentes et qu'on cherchera seulement à garder la meilleure moitié ou le meilleur quart de l'ensemble des sources), 20 lignées seraient même suffisantes.

Malheureusement, la méthode SSD, théoriquement parfaite pour extraire des lignées au hasard, est coûteuse (l'haplométhode le sera probablement encore plus) et pas assez rapide, puisqu'il faut attendre jusqu'en F_6 pour avoir une fixité acceptable.

Nous devons donc rechercher, pour estimer m, une autre méthode à la fois moins coûteuse et plus rapide.

La génération la plus précoce à notre disposition est la F_1 elle-même; certaines méthodes (essais diallèles) tentent de l'utiliser pour prévoir la valeur des croisements (voir par exemple COUSIN, 1969). Ces méthodes sont coûteuses et discutables car elles font appel à des hypothèses très restrictives. Je crois pourtant que leur principal défaut vient du fait qu'il est très souvent impossible (sauf cas particuliers comme clonage facile ou coefficient de multiplication énorme), d'évaluer les F_1 dans les conditions réelles d'expression des caractères, par insuffisance de semences disponibles.

Ceci est encore plus vrai pour un programme de sélection récurrente car dans ce cas, chacune des plantes hétérozygotes des populations améliorées, source équivalente à une F_1 (et que je désignerai par F'1) est originale et unique, puisque issue d'un croisement entre plantes elles-mêmes hétérozygotes. Etant unique, elle ne peut donc, par définition, être elle-même évaluée correctement.

Dans le cas (fréquent) où nous ne pouvons pas évaluer la F_1, la première génération accessible à l'expérimentation devient la F_2 (que les allogamistes appellent S_1 ou I_1, car résultat de l'autofécondation d'une S_0 ou I_0).

Je sais que les autogamistes ont une réaction de recul, sinon de rejet, quand on leur parle de mettre en essai des F_2, à cause de l'hétérosis résiduel, de l'hétérogénéité, etc..

Il peut arriver d'ailleurs que la F_2 elle-même (surtout lorsque la plante F_1 est unique) soit de taille insuffisante pour une évaluation correcte ; il faudra donc soit effectuer encore une autofécondation pour obtenir une quantité suffisante de grains, soit réussir à faire des essais avec des quantités très faibles de semences, ce que nous avons réussi à faire avec le haricot-grain.

Cet effort est de toute façon souhaitable car il permettra de miniaturiser les essais, diminuer les surfaces et les coûts, donc de trier beaucoup plus de matériel. Ceci devrait être la plupart du temps réalisable puisque nous acceptons de perdre sur la précision.

IV. CORRECTION DE L'HETEROSIS RESIDUEL

Effectivement, les premières générations issues d'un croisement sont hétérotiques, quelle que soit d'ailleurs la biologie florale de l'espèce : c'est la F_1 qui manifeste le plus d'hétérosis (les hybrides F_1 sont d'ailleurs exploités chez certaines autogames : tomate, piment, aubergine, riz, et envisagés pour d'autres : blé, orge). On peut considérer que l'hétérosis est proportionnel au nombre de locus à l'état hétérozygote ; il diminue donc de moitié à chaque génération d'autofécondation.

Voici par exemple la décroissance de l'hétérosis exprimé par rapport à une moyenne des parents, $\frac{P_1 + P_2}{2}$ de 100 avec un hétérosis de 140 %, 120 % ou de H % :

F_1	F_2	F_3	F_4	F_5	F_6
140	120	110	105	102	101
120	110	105	102	101	100
m+H	$m+\frac{H}{2}$	$m+\frac{H}{4}$	$m+\frac{H}{8}$	$m+\frac{H}{16}$	$m+\frac{H}{32}$

On voit que dès la F_4, cet hétérosis résiduel arrive à la limite de la précision de nos systèmes d'essai, mais qu'il biaise assez nettement les premières générations.

En faisant la différence entre deux colonnes, nous pouvons retrouver la formule de GALLAIS qui donne une estimation de m en fonction de la valeur moyenne de la F_2 et de la F_1, ou de la F_3 et de la F_2, et plus généralement de F_{n+1} et de F_n :

$$m = 2\overline{F}_2 - \overline{F}_1 = 2\overline{F}_{n+1} - \overline{F}_n$$

On voit que, avec l'acquisition de l'homozygotie, c'est-à-dire très vite, c'est $\overline{F}_n$ lui-même qui devient l'estimée de m.

Avec une mesure de la valeur moyenne de deux générations successives (F_2 et F_3 ou F_3 et F_4), calculée sur moins de 100 plantes au total pour chaque génération, réparties par exemple en 4 répétitions, nous obtenons une estimée précoce de la valeur de m.

En toute rigueur, il serait souhaitable que ces évaluations aient lieu la même année (pour éliminer l'interaction génotype x année).

Mais ce seront probablement les sources ayant donné les plus fortes valeurs en F_2 qui seront de toute façon les plus intéressantes ; bien que probablement les plus hétérotiques, donc les plus sévèrement corrigées par la formule de GALLAIS, du fait même de leur nature très hétérozygote, elles auront une forte variance et recèleront des possibilités de transgression supplémentaires.

V. CORRECTION DE L'HETEROGENEITE

L'hétérogénéité peut constituer une entrave à l'évaluation correcte du fait des phénomènes de compétition qu'elle entraine, par exemple entre plantes de tailles différentes ou de précocité différente.

La seule manière de corriger est de décaler l'évaluation d'une génération en éliminant les plantes de phénotype indésirable.

Une hétérogénéité particulièrement néfaste sera celle que risque d'introduire l'utilisation des stérilités mâles géniques pour réaliser les croisements à grande échelle. Des plantes mâle-stériles vont réapparaître en F_2 et en F_3 et perturberont soit l'évaluation immédiate si elles sont mal fécondées (plantes très autogames), soit l'évaluation future si elles sont bien fécondées, en produisant une quantité d'hybrides naturels non contrôlés dans la génération suivante.

VI. APPLICATION AU HARICOT-GRAIN

Je vais essayer de vous montrer maintenant à partir d'une expérience menée sur le haricot-grain que la détection précoce des bons croisements est non seulement possible, mais plus facile que la détection de bonnes familles à l'intérieur des croisements.

Le haricot-grain est actuellement négligé par les sélectionneurs français, du fait d'une insuffisante protection contre les utilisateurs des semences qui ont pris l'habitude de les reproduire sans se rendre compte qu'ils bloquaient ainsi le progrès génétique. Il n'y a pas de variété française adaptée à l'appertisation automatisée et les variétés américaines sont trop tardives ou mal adaptées à nos conditions agronomiques. La France est donc obligée d'importer plus de 30.000 t par an de haricot sec pour fabriquer ses conserves de haricots blancs. Cette dépendance quasi totale inquiète à la fois les pouvoirs publics et les industriels de la conserve qui voient monter leurs coûts. Nous avons donc décidé, en 1974, de nous intéresser à ce type de haricot.

1. Matériel et méthodes

Une dizaine de croisements entre variétés très différentes ont été réalisés en 1975. Seuls 6 d'entre eux (ceux dont au moins un des parents était résistant à la mosaïque commune) ont été conservés.

Les F_2 ont été observées au champ en 1976 et seules les plantes F_2 résistantes à la mosaïque commune (résistance commandée par un gène dominant) ont été récoltées.

Les lignées F_3 ont été cultivées en 1977 à raison, hélas, d'une seule ligne de 2 m ; je dis hélas, car il y avait assez de graines pour faire 2 ou 3 répétitions.

Il faut préciser ici que cette expérience était destinée à comparer à partir de la F_4 la sélection pedigree classique avec une nouvelle méthode où les familles (descendances de plantes F_2 différentes) étaient mises directement en essai dès la F_4 après obtention d'une quantité suffisante de graines sur la ligne F_3 : il n'avait pas été envisagé à l'époque de faire un essai sur la F_3 (dans l'idée qu'il n'y aurait pas assez de semences), encore bien moins sur la F_2.

Le but était donc plutôt de comparer les familles à l'intérieur des croisements que les croisements eux-mêmes : nous allons voir que les données permettent les deux types de comparaison.

Les F_3 homogènes résistantes ont donc été récoltées à l'automne 1977, battues en plantes isolées, chaque récolte individuelle étant pesée, ce qui a permis de reconstituer le rendement de chaque ligne F_3.

Par la suite, pour la partie "sélection pedigree classique", chaque famille a été représentée par 5 lignes F_4. Après sélection visuelle d'une de ces 5 lignes, celle-ci donnait à son tour 5 lignes l'année suivante et ainsi de suite jusqu'en 1980.

Pour la partie "essais précoces", le reste des graines F_4 a été mélangé (reconstituant la récolte en mélange de la ligne F_3 d'origine) et mis en essai de rendement à 5 répétitions avec des parcelles élémentaires de 1 m^2 (2m x 0,5m), identiques à tous points à des lignes de pépinière.

A la fin de l'expérience (en 1982 et 1983), la comparaison entre pedigree et essais précoces en mélange pourra donc se faire valablement puisque les deux méthodes auront été menées à surfaces égales.

L'essai a été renouvelé en 1979 avec les mélanges F_5 et en 1980 avec les mélanges F_6 (mélanges provenant des récoltes d'essais elles-mêmes). En 1979, devant le coût de tels essais, le nombre de familles de chaque croisement a été réduit à 4 pour chaque croisement (sauf pour 2 d'entre eux). Les 4 familles conservées n'ont pas été choisies au hasard, mais sur la base des résultats en F_4 : on a gardé les 2 plus fortes et les 2 plus faibles.

Tableau 1

Résultats globaux de 4 années d'essais
(en dag/m² = qx/ha)

Témoins	1977	1978	1979	1980	78+79+80
GN 31	39	38,0	37,2	38,4	37,9
Michelet	37	34,2	40,4	38,6	37,7
Anfa	/	30,8	42,2	38,0	37,0
Canieu	34	34,2	39,6	36,0	36,6
Red Kloud	39	37,0	37,4	32,0	35,5
HS 11	32	31,8	32,2	37,0	33,7
Nep 2	26	31,0	27,2	42,0	33,4
Seaway	26	27,8	28,8	26,8	27,8
Moyenne g^ale	33,3	33,1	35,6	36,1	34,9
Valeur moyenne en % de 1978	100	100	107,6	109,1	
Croisements et familles	1977 (F_3) 1 r	1978 (F_{4m}) 5 r	1979 (F_{5m}) 5 r	1980 (F_{6m}) 5 r	(78+79+80) 15 r
ZCD 15	*33*	*43,2*	*38,4*	*48,2*	*43,2*
16	*39*	*38,0*	*37,4*	*41,8*	*39,1*
9	*43*	*36,0*	*36,0*	*39,4*	*35,6*
11	*40*	*32,6*	*35,2*	*35,0*	*34,3*
	38,8	37,5	36,8 (34,1)*	39,9 (36,6)*	38,0
ZCH 1	*40*	*43,4*	*42,2*	*47,0*	*44,2*
27	*44*	*40,6*	*42,0*	*49,4*	*44,0*
8	*42*	*39,4*	*43,2*	*46,2*	*42,9*
21	*49*	*39,4*	*43,8*	*43,8*	*42,3*
	43,8	40,7	42,8 (39,6)	46,6 (42,8)	43,4
ZCH' 31	*41*	*38,6*	*43,2*	*39,4*	*40,4*
32	*39*	*36,6*	*43,8*	*39,4*	*39,9*
29	*32*	*32,8*	*34,2*	*32,0*	*33,0*
13	*30*	*29,0*	*33,0*	*35,6*	*32,5*
	35,5	34,3	38,6 (35,7)	36,6 (33,6)	36,5
ZCJ 17	*29*	*22,2*	*28,2*	*29,4*	*26,6*
32	*27*	*21,4*	*24,0*	*25,6*	*23,7*
14	*23*	*17,8*	*24,6*	*23,2*	*21,9*
15	*20*	*14,8*	*20,0*	*20,4*	*18,4*
	24,8	19,1	24,2 (22,4)	24,7 (22,7)	22,6
ZCL 5	*38*	*39,6*	*41,0*	*43,2*	*41,3*
1	*49*	*35,2*	*42,6*	*38,0*	*38,6*
8	*25*	*27,8*	*31,6*	*28,0*	*29,1*
11	*17*	*20,2*	*28,4*	*25,6*	*24,7*
	32,3	30,7	35,9 (33,0)	33,7 (30,9)	33,4
ZEB 1	*32*	*34,8*	*34,8*	*36,2*	*35,3*
12	*35*	*32,4*	*34,0*	*35,6*	*34,0*
24	*28*	*31,8*	*31,8*	*35,8*	*33,1*
6	*31*	*31,4*	*27,6*	*39,6*	*32,9*
	31,5	32,6	32,1 (29,7)	36,8 (33,8)	33,8
ZEB' 10	*36*	*28,4*	*30,2*	*36,2*	*31,6*
18	*30*	*29,0*	*27,2*	*38,4*	*31,5*
22	*30*	*25,2*	*27,8*	*36,8*	*29,9*
4	*32*	*27,6*	*21,0*	*33,6*	*27,4*
	32,0	27,6	26,6 (24,6)	36,3 (33,0)	30,1
ZEO 18	*44*	*38,4*	*39,8*	*46,8*	*41,7*
1	*38*	*35,6*	*37,4*	*38,8*	*37,3*
10	*33*	*30,6*	*36,0*	*37,6*	*34,7*
5	*40*	*33,8*	*33,2*	*33,2*	*33,4*
	38,8	34,6	36,6 (33,9)	39,1 (35,9)	36,8
Moyenne g^ale	34,7	32,1	34,2 (31,7)	36,7 (33,7)	34,3

* Entre parenthèses, valeurs corrigées de l'effet année grâce aux témoins.

L'ensemble des résultats des essais déjà réalisés peut se présenter sous forme d'un tableau avec 3 années, 5 répétitions, 8 croisements, représentés chacun par 4 familles, et 8 témoins (tableau 1). En réalité, il n'y a que 6 croisements, mais pour 2 de ceux-ci particulièrement intéressants ZCH et ZEB, il a été décidé de conserver 8 familles. Ils ont été dédoublés uniquement pour des facilités de calcul au niveau de l'analyse de variance. Là aussi, la séparation en deux sous-groupes a été décidée sur la base des résultats obtenus sur F_4 en 1978 : le premier sous-groupe comprend les familles qui s'étaient le mieux classées, le deuxième les moins bonnes.

On disposait également de la pesée de la ligne F_3 1977 (non répétée).

2. Résultats et discussion

a) Des essais comparatifs avec des parcelles de 1 m^2 (2m x 0,5m) et 5 répétitions ne sont pas très précis, comme il fallait s'y attendre. Les coefficients de variation oscillent entre 15 et 20 %, mais cette précision est suffisante pour l'objectif recherché.

Les rendements sont fortement surestimés par le très fort effet de bordure de ces micro-essais : il faut retrancher 20 à 25 % de la valeur obtenue pour avoir le rendement réel en grandes parcelles. Mais le but était de classer les descendances et non d'estimer la productivité réelle.

b) L'analyse de variance (tableau 2) montre qu'il y a des différences hautement significatives entre les croisements.

Tableau 2

ANALYSE DE VARIANCE SUR 3 ANNEES

Témoins : 5 blocs x 3 ans x 8 variétés = 120

Origine de la variation	SCE	DL	CM	F	
Blocs + Blocs x Années	1.441,95	12	120,2	2,49	HS
Variétés	1.179,25	7	168,5	3,50	HS
Années	208,0	2	104,0	2,15	S
Variété x Année	1.080,50	14	77,2	1,60	NS
Résiduelle	4.046,75	84	48,17		

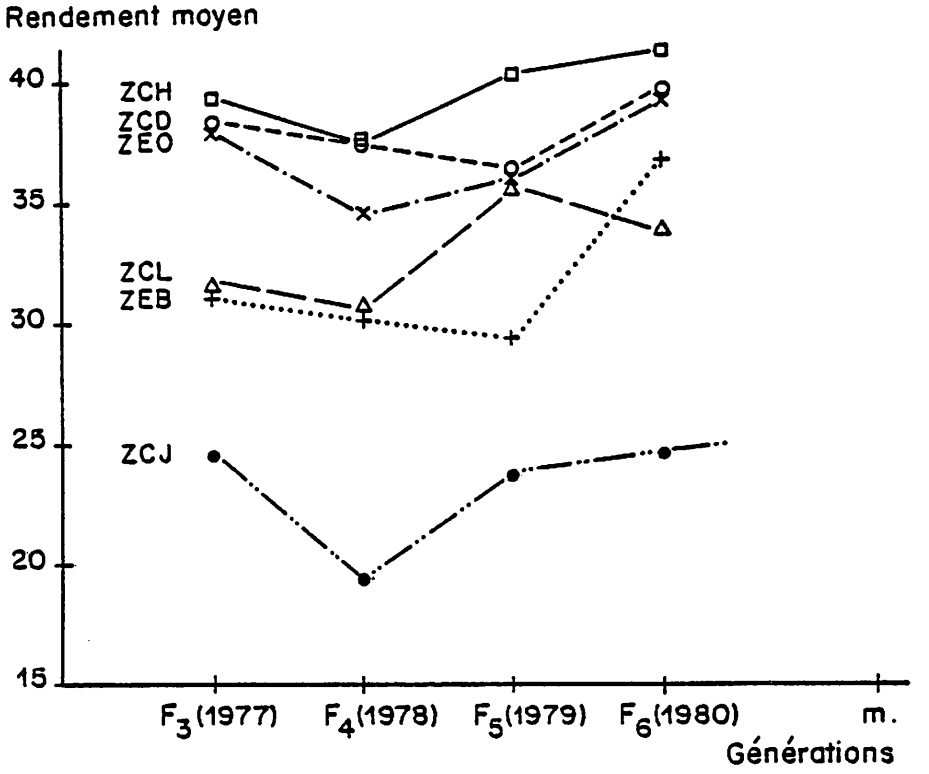
Croisements: 5 blocs x 3 ans x 8 croisements x 4 familles = 480

Blocs + Blocs x Années	3.162,0	12	263,5	9,97	HS
Croisements	15.683,2	7	2.240,0	84,83	THS
Familles intracroisement	8.041,8	24	335,1	12,68	HS
Années	1.648,5	2	842,2	31,88	HS
Croisements x Années	1.236,1	14	88,3	3,34	HS
Familles x Années	1.121,8	48	23,37	0,88	NS
Résiduelle	9.827,7	372	26,41		

Les croisements ont une moyenne générale (34,3) très proche de celle des témoins (34,9), mais les écarts sont beaucoup plus importants.

Si l'on regroupe ZCH et ZCH' ainsi que ZEB et ZEB', qui avaient été artificiellement séparés pour les besoins de l'analyse de variance, on constate que le classement des 6 croisements reste pratiquement sans changement sur les 4 années (Fig. 3)

Figure 3



La prédiction de la valeur des croisements était donc déjà acquise dès la F_3 : les essais en F_4, F_5 et F_6 apportent simplement une précision supplémentaire et la mise en évidence d'une interaction croisements x années, ce que confirme le calcul des corrélations de rangs (tableau 3).

Ces différences considérables de rendement peuvent être attribuées à des différences de précocité et de poids du grain qui semblent être d'importants facteurs du rendement chez le haricot sec.

Les trois premiers croisements ont de gros grains et sont relativement tardifs. ZCJ est très précoce et, de ce fait, beaucoup moins productif.

Par contre, la prédiction de la valeur des familles ne devient correcte qu'à partir de la F_4, probablement à cause de la précision supérieure apportée par les 5 répétitions.

Tableau 3

Corrélations de rang entre les moyennes des croisements ou groupes de 4 familles

	F_3 1977	F_4 1978	F_5 1979	F_6 1980
T1	9	7	7	8
T2	4,5	4	2	6,5
ZCD	2,5	2	3	2
ZCH	1	1	1	1
ZCH'	4,5	5	5	5
ZCJ	10	10	10	10
ZCL	7	8	6	9
ZEB	7	6	8	4
ZEB'	7	9	9	6,5
ZEO	2,5	4	4	3

Coefficients de Spearman :

F_3 / F_6 r_s = 0,903 HS

F_4 / F_6 r_s = 0,915 HS

F_5 / F_6 r_s = 0,670 S

Tableau 4

Corrélations de rangs entre les moyennes des familles dans 2 croisements

		F_3	F_4	F_5	F_6
ZCH	1	5	1	6	2
	27	2	2	5	1
	21	1	3,5	1,5	4
	8	3	3,5	3,5	3
ZCH'	31	4	5	3,5	5,5
	32	6	6	1,5	5,5
	29	7	7	7	8
	13	8	8	8	7

Coefficients de Spearman :

F_3 / F_6 r_s = 0,718 HS

F_4 / F_6 r_s = 0,626 NS

F_5 / F_6 r_s = 0,385 NS

ZEB	1	7,5	1	1	4,5
	24	4	3	3	6
	12	6	2	2	7
	6	7,5	4	6	1
ZEB'	18	1	5	7	2
	10	3	6	4	4,5
	14	2	7	8	8
	22	3	8	5	3

Coefficients de Spearman :

F_3 / F_6 r_s = - 0,10

F_4 / F_6 r_s = 0,152

F_5 / F_6 r_s = 0,776

Le calcul des corrélations de rang sur 2 croisements (tableau 4) montre que, pour certains croisements, ZEB par exemple, il est très difficile d'arriver à un classement stable des familles qui sont trop proches et en interaction avec les années.

Il est donc plus facile de classer précocement les croisements que de classer les descendances (familles) à l'intérieur des croisements.

Le calcul de m par la formule de GALLAIS sur les 3 couples de données disponibles (tableau 5) nous fournit à nouveau le même classement des croisements et une approche du niveau moyen de rendement qu'atteindront les lignées pures extraites de chaque croisement.

Tableau 5

Estimation de la valeur de m par la formule de GALLAIS

	$2\ \overline{F}_4 - \overline{F}_3$	$2\ \overline{F}_5 - \overline{F}_4$	$2\ \overline{F}_6 - \overline{F}_5$	Moyenne
ZCD	36,2	30,7	39,1	35,3
ZCH	35,3	37,9	38,7	37,3
ZCJ	13,4	25,7	23,0	20,7
ZCL	29,1	35,3	28,8	31,1
ZEB	28,4	24,3	39,1	30,8
ZEO	30,4	33,2	37,9	33,8

Les données ont été corrigées de la variation annuelle d'après la valeur des témoins

1977	100
1978	100
1979	108
1980	109

Il restera à vérifier que les performances des lignées fixées qui seront tirées des différentes familles confirmeront ces classements et à les comparer avec les meilleures lignées tirées de la pépinière classique conduite en parallèle. Il sera également intéressant de vérifier que les niveaux de rendement atteints sont en accord avec les estimations obtenues par la formule de GALLAIS.

c) Nous savons qu'une F_3 contient une variabilité résiduelle non négligeable. Or, par une reproduction successive en mélange jusqu'en F_6, à partir des quelques 25 plantes F_3 de départ par reprise des semences dans les récoltes d'essais, nous avons confondu les origines. Nous devons récupérer la variabilité par extraction de lignées au hasard. Celles-ci ont beaucoup de chances d'être soeurs en F_6 ou en F_5, dont très peu différentes,

et finalement assez peu de chances de descendre de plantes F_2 différentes, ce qui serait souhaitable.

Pour éviter cette perte d'information, il aurait suffi de récolter une gousse sur chaque plante F_3 et de mener parallèlement aux essais une SPD (Single Pod Descent équivalente à une SSD).

Une évaluation précoce des croisements sur F_2 (ou S_1), ou sur F_3 (S_2), devra donc obligatoirement s'accompagner d'une mise en réserve ou d'une fixation parallèle du type SSD, ayant pour but de maintenir séparées 20 à 50 descendances présentant le maximum de différences entre elles. Il est évident que l'expérimentation détaillée de ces composants ne sera entreprise que pour les croisements de très haut niveau.

d) Une expérience d'évaluation précoce sur F_2 a été commencée en 1980. Les différences de rendement entre 20 croisements, estimées sur F_2, sont encore plus fortes que précédemment. Les rendements varient de 19 à 55. Pour chaque F_2, une gousse a été récoltée sur 40 plantes F_2 différentes en vue de constituer une SPD parallèle aux essais.

CONCLUSION

La seule méthode efficace pour tirer le parti maximum des populations hétérozygotes améliorées issues de sélection récurrente consiste à évaluer le plus vite possible les sources disponibles.

Une expérience sur haricot-grain, destinée à l'origine à comparer sélection généalogique classique et essais précoces de rendement a permis de montrer que l'évaluation des sources (croisements) est facile et peu coûteuse en F_3, car la précision nécessaire n'est pas très grande. Des essais à un stade encore plus précoce, c'est-à-dire en S_1 (ou F_2) sont probablement réalisables.

Des essais de ce genre devraient être entrepris sur d'autres espèces autogames.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

FOUILLOUX G., 1980. Effectifs et nombre de cycles de sélection à utiliser lors de l'emploi de la filiation unipare (SSD) ou de l'haplométhode pour la création de variétés lignées "pures" à partir d'une F_1. Ann. Amélior. Pl., 30, 1, 17-38.

FOUILLOUX G., 1981. Sélection intra ou intercroisements chez les espèces autogames. Le Sélectionneur Français, 29, 53-59.

GALLAIS A., 1977. Amélioration de l'efficacité des Schémas de sélection récurrente. Ann. Amélior. Pl., 27, 4, 477-481.

Journée ASF du 5 février 1981